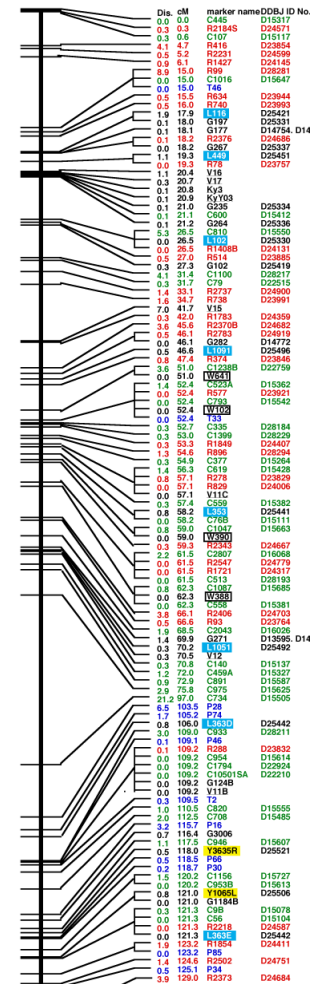
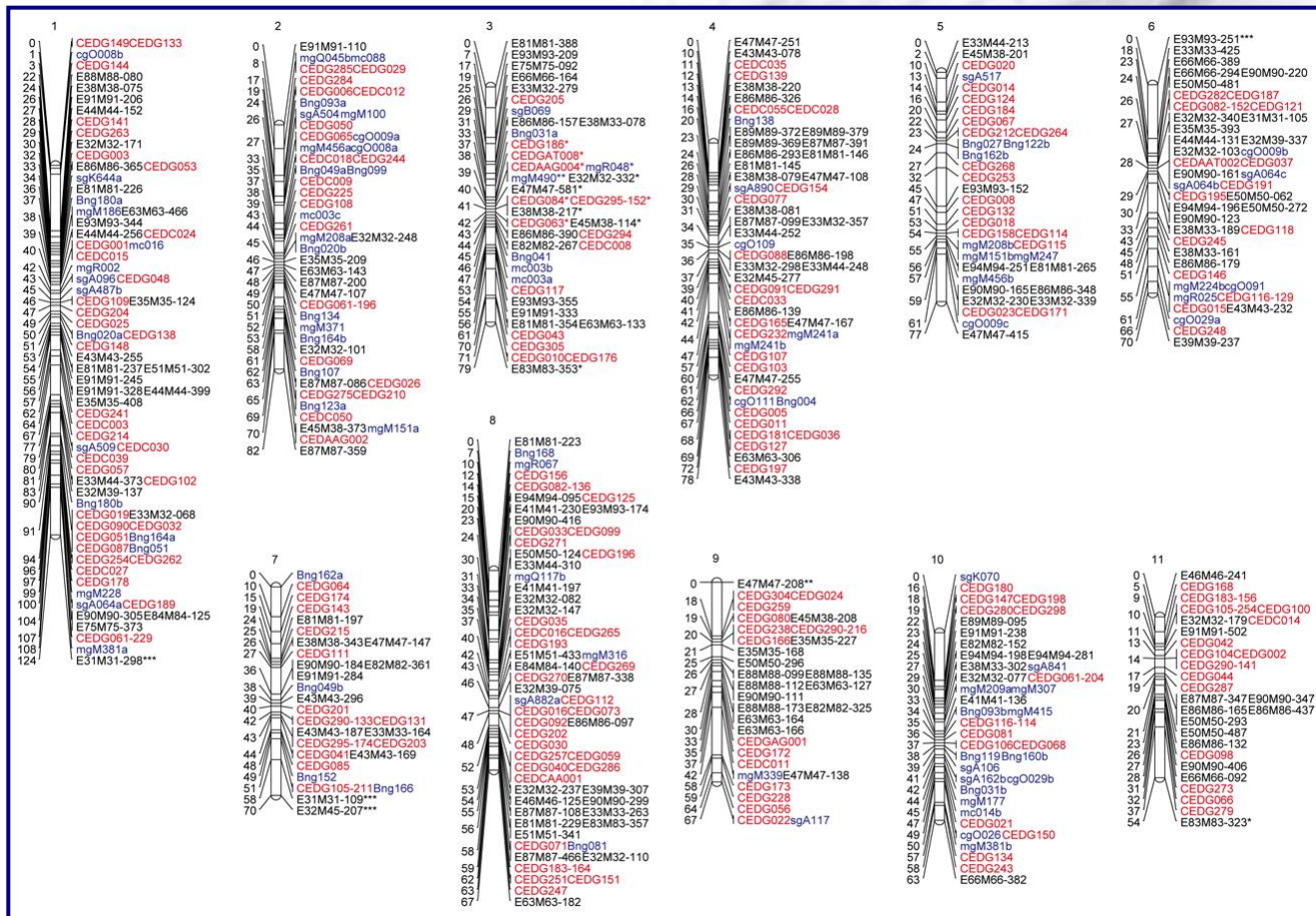


Třibodové mapování

Chromosome 4



Třibodové mapování

Podmínky pro třibodové mapování:

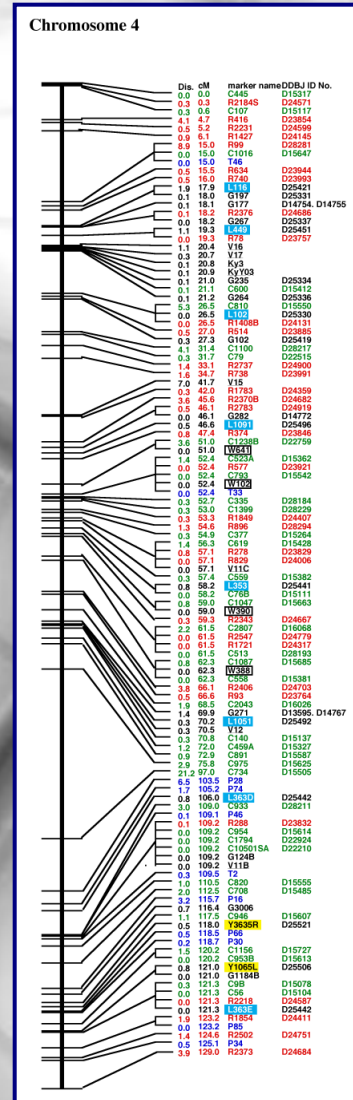
- 1) jeden z rodičů je **heterozygot** ve všech třech mapovaných genech
- 2) druhý rodič je **recesivní homozygot** ve všech třech mapovaných genech
- 3) k dispozici máme dostatečně **velké potomstvo** těchto rodičů tak, abychom zachytili i potomky s dvojnásobným crossing-overem

Příklad 1

U kukuřice je alela *an* (*anther ear*), *br* (*brachytic*) a *f* (*fine stripe*) všechny na chromozomu 1. Z údajů v tabulce určete pořadí genů na chromozomu a mapové vzdálenosti mezi nimi. Namalujte genetickou mapu této části chromozomu.



Fenotyp potomstva	Počet
+++	88
++f	21
+br+	2
+brf	339
an++	355
an+f	2
anbr+	17
anbrf	55
celkem	879



1) Rozdělení jedinců do tříd podle četnosti crossing-overu

- DCO (double c.-o.), SCO (single c.-o.) a NCO (non c.-o. – rodičovská kombinace).

Fenotyp potomstva	Počet
+++	88
++f	21
+br+	2
+brf	339
an++	355
an+f	2
anbr+	17
anbrf	55
celkem	879

DCO

+ br +	2	
an + f	2	tedy 4 jedinci z 879, tj. 0,46 %

NCO

+ br f	339	
an + +	355	78,95 %

SCO

+ + +	88	
an br f	55	16,27 %

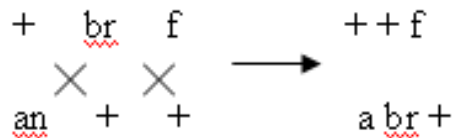
SCO

+ + f	21	
an br +	17	4,32 %

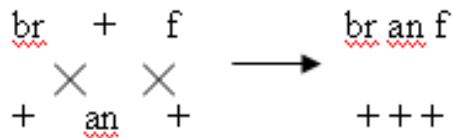
Postup:**2) Stanovení pořadí genů na chromozomu**

- u rodičovského uspořádání provedeme dvojitý crossing-over a porovnáváme, zda-li se takto vzniklé kombinace skutečně vyskytly v DCO potomstvu

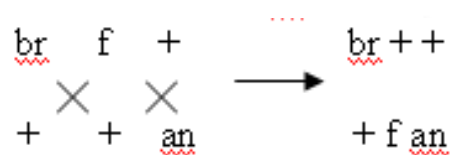
testujeme:



$++f$ se ve třídě DCO nevyskytuje (je tam $a + f$)
= toto pořadí tedy není správné

prohodíme pozice genů *an* a *br* a testujeme:

ani $\underline{br} \underline{an} f$ se ve třídě DCO nevyskytuje, tedy
ani toto pořadí není správné

zaměníme tedy pozice genů *an* a *f* a testujeme:

$\underline{br} ++$ se ve třídě DCO vyskytuje, tedy našli
jsme **správné pořadí genů $\underline{br} - f - \underline{an}$**

DCO

+ br +	2	
an + f	2	0,46 %

NCO

+ br f	339	
an + +	355	78,95 %

SCO

+ + +	88	
an br f	55	16,27 %

SCO

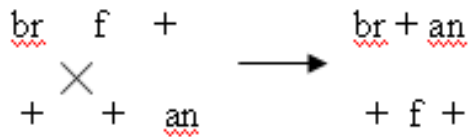
+ + f	21	
an br +	17	4,32 %

Postup:**3) Výpočet vzdálenosti genů mezi sebou.**

- vzdálenost mezi dvěma geny určíme jako součet četností SCO mezi těmito dvěma geny a DCO.

br - f

- nejdříve si určíme správnou třídu SCO, testujeme tedy jednoduchý c.-o. na rodičovském uspořádání:



- vzdálenost určíme jako:

$$SCO (br + an) + DCO = 4,32 + 0,46 = \mathbf{4,78 \text{ cM}}$$

f - an

$$SCO (br f an) + DCO = 16,27 + 0,46 = \mathbf{16,73 \text{ cM}}$$

DCO

+ br +	2	
an + f	2	0,46 %

NCO

+ br f	339	
an + +	355	78,95 %

SCO

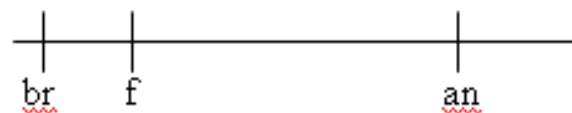
+ + +	88	
an br f	55	16,27 %

SCO

+ + f	21	
an br +	17	4,32 %

Pořadí NCO


br f +
+ + an

4) Obrázek genetické mapy:

Konstrukce genetické mapy formou hry – celkem 6 úrovní

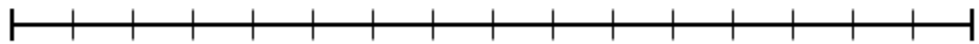
- lze využít jako rozcvičku k příkladu 4 ze skript

Interaktivní genetické mapování
[Zpět na Tříbodové mapování](#)



Úroveň 1 (3 geny) [náповěda]

A-B	4
A-C	6
B-C	10



A B C

Reset Vyhodnotit Další

Interaktivní genetické mapování
(elektronická skripta „Praktikum z obecné genetiky“)